

JP11318455

Title:
HUMAN CANCER REGRESSION ANTIGENIC PROTEIN

Abstract:

PROBLEM TO BE SOLVED: To obtain a polynucleotide molecule useful for the diagnosis and treatment of tumors, autoimmune diseases, etc., by encoding a specific tumor antigenic peptide. **SOLUTION:** This polynucleotide molecule is selected from the group consisting of (i) a polynucleotide molecule encoding an amino acid sequence represented by the formula, (ii) a polynucleotide molecule encoding a protein in which one or plural amino acids are substituted, deleted, inserted or added in the amino acid sequence represented by the formula, (iii) a polynucleotide molecule comprising a base sequence represented by the formula, (iv) a polynucleotide molecule in which one or plural bases are substituted, deleted, inserted or added in the base sequence represented by the formula and (v) a polynucleotide molecule hybridizable with any of the polynucleotide molecule under stringent conditions. A peptide comprising a part of the protein encoded with the polynucleotide molecule is a tumor antigenic peptide bound to a main histocompatibility gene complex(MHC) class I antigen and recognized with a T cell.

(19) 日本国特許庁 (J P)

(12) 公開特許公報 (A)

(11) 特許出願公開番号

特開平11-318455

(43) 公開日 平成11年(1999)11月24日

(51) Int. Cl. ⁶	識別記号	F I		
C12N 15/09	ZNA	C12N 15/00	ZNA	A
A61K 31/70	ABC	A61K 31/70	ABC	
38/00	ADU	39/395		D
39/395		48/00		
48/00		C07K 14/47		
審査請求 未請求 請求項の数11 O L (全19頁) 最終頁に続く				

(21) 出願番号	特願平10-126398	(71) 出願人	596094371 伊東 恭悟 佐賀県三養基郡基山町けやき台2-25-9
(22) 出願日	平成10年(1998)5月8日	(72) 発明者	伊東 恭悟 佐賀県三養基郡基山町けやき台2-25-9
		(72) 発明者	中尾 真修 福岡県久留米市東町394-1-1202
		(74) 代理人	弁理士 細田 芳徳

(54) 【発明の名称】 ヒト癌退縮抗原タンパク質

(57) 【要約】

【課題】扁平上皮癌等の幅広い腫瘍又は限られた腫瘍でも多くの患者に応用でき、又は腫瘍の治療や診断を補完しつつ各種腫瘍に応用できる癌療法の一助となる腫瘍抗原タンパク質、腫瘍抗原ペプチド等を提供すること。

【解決手段】タンパク質の一部がMHCクラスI抗原と結合してT細胞により認識される腫瘍抗原タンパク質をコードするポリヌクレオチド分子、該ポリヌクレオチド分子によりコードされる腫瘍抗原タンパク質、該ポリヌクレオチド分子の一部からなるオリゴヌクレオチド分子、該オリゴヌクレオチド分子によりコードされる腫瘍抗原ペプチド、該ポリヌクレオチド分子の塩基配列と相補的な配列からなるオリゴヌクレオチド分子、該腫瘍抗原タンパク質又はペプチドを含有する医薬、該腫瘍抗原タンパク質又はペプチドに対する抗体、該ポリ又はオリゴヌクレオチド分子を含有する医薬、該ポリ又はオリゴヌクレオチド分子を有するプラスミド並びに該プラスミドを含む形質転換体。

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 (1) 配列番号：1 のアミノ酸配列をコードするポリヌクレオチド分子、(2) 配列番号：1 のアミノ酸配列において、1 もしくは複数のアミノ酸が置換、欠失、挿入または付加されたタンパク質をコードするポリヌクレオチド分子、(3) 配列番号：1 の塩基配列からなるポリヌクレオチド分子、(4) 配列番号：1 の塩基配列において、1 もしくは複数の塩基が置換、欠失、挿入または付加されたポリヌクレオチド分子、および(5) 前記(1)～(4)のいずれかのポリヌクレオチド分子にストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチド分子、からなる群より選択されるポリヌクレオチド分子であって、該ポリヌクレオチド分子がコードするタンパク質の一部からなるペプチドが主要組織適合遺伝子複合体(MHC)クラス I 抗原と結合して T 細胞により認識される腫瘍抗原ペプチドであるポリヌクレオチド分子。

【請求項 2】 請求項 1 記載のポリヌクレオチド分子によりコードされる腫瘍抗原タンパク質。

【請求項 3】 請求項 1 記載のポリヌクレオチド分子の一部からなるオリゴヌクレオチド分子であって、MHC クラス I 抗原と結合して T 細胞により認識される腫瘍抗原ペプチドをコードするオリゴヌクレオチド分子。

【請求項 4】 配列番号：1 のアミノ酸配列中、連続した少なくとも 7 個のアミノ酸残基を含む腫瘍抗原ペプチドをコードする請求項 3 記載のオリゴヌクレオチド分子。

【請求項 5】 配列番号：1 のアミノ酸配列を有する腫瘍抗原タンパク質をコードするポリヌクレオチド分子のコーディング配列またはその 5' ノンコーディング配列中の塩基配列と相補的な配列からなるオリゴヌクレオチド分子またはその化学的修飾体。

【請求項 6】 請求項 3 または 4 記載のオリゴヌクレオチド分子によりコードされる腫瘍抗原ペプチドまたはその誘導体。

【請求項 7】 請求項 2 記載の腫瘍抗原タンパク質または請求項 6 記載の腫瘍抗原ペプチドもしくはその誘導体を含有する医薬。

【請求項 8】 請求項 2 記載の腫瘍抗原タンパク質または請求項 6 記載の腫瘍抗原ペプチドもしくはその誘導体に対する抗体。

【請求項 9】 請求項 1 記載のポリヌクレオチド分子、請求項 3 もしくは 4 記載のオリゴヌクレオチド分子または請求項 5 記載のオリゴヌクレオチド分子もしくはその化学的修飾体を含有する医薬。

【請求項 10】 請求項 1 記載のポリヌクレオチド分子または請求項 3～5 いずれか記載のオリゴヌクレオチド分子を有するプラスミド。

【請求項 11】 請求項 10 記載のプラスミドによって形質転換された形質転換体。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】本発明は医療分野に属し、詳しくは癌または自己免疫疾患を処置する方法、さらに詳しくは細胞傷害性 T 細胞によって攻撃を受けて退縮する癌退縮抗原およびそれを利用する免疫療法等に関する。

【0002】生体による腫瘍の排除には免疫系、特に T 細胞が重要な役割を果たしていることが知られている。実際、ヒトの腫瘍局所には腫瘍細胞に対して傷害活性を示すリンパ球の浸潤が認められ (Arch. Surg. 126:200-205, 1990)、メラノーマから自己の腫瘍細胞を認識する細胞傷害性 T 細胞 (CTL) が分離されている (Immunol. Today 8:385, 1987, J. Immunol. 138:989, 1987, Int. J. Cancer 52:52-59, 1992 等)。また、T 細胞移入によるメラノーマ治療の臨床結果も腫瘍排除による T 細胞の重要性を示唆している (J. Natl. Cancer. Inst. 86:1159, 1994)。

【0003】自己の腫瘍細胞を攻撃する CTL は、腫瘍抗原ペプチドが主要組織適合遺伝子複合体 (MHC) クラス I 抗原に結合した複合体を T 細胞受容体 (TCR) を用いて認識し、自己の腫瘍細胞を攻撃している。この腫瘍抗原ペプチドは、腫瘍抗原 (タンパク質) が細胞内で合成された後、プロテオソームによって細胞質内でペプチドに分解されることによって生成される。一方、MHC クラス I 抗原は、上記の腫瘍抗原ペプチドと結合し、シスゴルジを経て成熟側のトランスゴルジへと移動し細胞表面に発現する (臨床免疫 27(9):1034-1042, 1995)。

【0004】

【従来の技術】ヒト癌細胞上の MHC クラス I 抗原上に提示され、宿主 T 細胞の標的分子となる腫瘍抗原タンパク質が 1991 年に T. Boon により同定された (Science 254:1643-1647, 1991)。この抗原は、この抗原を発現する癌細胞が CTL によって攻撃を受け退縮することから癌退縮抗原と呼ばれ、また、メラノーマ細胞から同定されたことより Melanoma antigen (MAGE) と名付けられている。その後、CTL により認識される腫瘍抗原タンパク質がメラノーマ細胞などから相次いで同定された。今までに同定された腫瘍抗原タンパク質はその由来、構造 (変異の有無) や発現様式により以下の 4 つのカテゴリーに分類される (T. Boon et al., J. Exp. Med. 183:725-729, 1996)：

【0005】i) 腫瘍特異的共有抗原 (Tumor-Specific Shared Antigens)

ここに分類される抗原は正常組織では睾丸と胎盤でのみ発現され、腫瘍組織ではメラノーマ、頭頸部癌、非小細胞性肺癌、膀胱癌など各種の癌に広範に発現が認められる一群のタンパク質である。このカテゴリーの腫瘍抗原タンパク質としては、上記の MAGE、その 12 種類以上の類似するファミリーを形成するタンパク質群 (J. Ex

p. Med. 178:489-495, 1993)、BAGE (Immunity 2:167-175, 1995) およびGAGE (J. Exp. Med. 182:689-698, 1995)があり、いずれもメラノーマ細胞から同定されている。また最近、メラノーマに限って広範に発現されるNA17-Aが報告された。それは、N-アセチルグルコサミニルトランスフェラーゼV遺伝子のイントロンに相当する部分が翻訳され、HLA-A2拘束性に抗原ペプチド(VLPQVFIRC)が癌退縮抗原として発現し、CTLにより認識される。

【0006】ii) 分化抗原(Differentiation Antigen s)

ここに分類される腫瘍抗原タンパク質は、正常組織ではメラノサイトで発現しており、腫瘍組織ではメラノーマでのみ発現が認められる一群のタンパク質である。これらの組織特異的なタンパク質は腫瘍細胞のメラノーマに強度に発現しているが、他の組織型の癌(腺癌や扁平上皮癌)には認められないことから、メラノーマに特異的な腫瘍抗原タンパク質と考えられる。このカテゴリーの腫瘍抗原タンパク質としては、チロシナーゼ(J. Exp. Med. 178:489-495, 1993)、MART-1 (Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91: 3515, 1994)、gp100 (J. Exp. Med. 179: 1005-1009, 1994)、gp75 (J. Exp. Med. 181: 799-803, 1995)があり、これらの遺伝子はいずれもメラノーマ細胞からクローニングされている。なお、他にMelan-A (J. Exp. Med. 180: 35, 1994)が同定されたが、後にMART-1と同一の分子であることが判明した。また、ここに分類される抗原は正常のメラノサイトにも発現していることから、メラノサイト破壊性自己免疫疾患での標的分子としての可能性が存在する。特にMART-1/melan-Aはvon-Hippel-Lindau病における標的分子と考えられる(S. Sugita, et al., Int. Immunol. 8:799-803, 1996)。gp100はそれを発現するメラノーマが免疫療法に高い感受性を示すので、in vivoでの癌退縮抗原として作用している可能性がある。このカテゴリーの腫瘍抗原タンパク質は、メラノーマ以外の腫瘍では発現していないため、他の腫瘍に応用することはできない。

【0007】iii) 個々の腫瘍に特異的な抗原(Antigens Specific for Individual Tumors)

この領域に分類される腫瘍抗原タンパク質は、正常細胞が癌化する過程でおこる遺伝子変化に伴う癌特有の新しい抗原である。遺伝子変化としては点突然変異(point mutation、変異CDK4抗原、変異 β -Catenin抗原、MUM-抗原)、alterative open reading frame (変異gp75抗原)がこれまでに知られている。したがって、このような抗原は癌に特異的であり特異免疫の成立が容易に成立するものと考えられる。しかしながら、一方で各々の遺伝子変化は個々の腫瘍もしくは個々の腫瘍細胞に限って発現していることが殆どである。したがって発現頻度はきわめて低く、癌治療を目的とした

ワクチン分子として臨床応用され難いという欠点を有する。

【0008】iv) 普遍性抗原(Ubiquitous Antigens) 殆どの正常細胞や癌細胞に非変異体として普遍的に発現される(ubiquitous)抗原がCTLの癌認識分子になっているケースとしては、p15が知られている。p15分子はHLA-A24結合性ペプチドを有する。p15は正常細胞に比して癌細胞により強く発現されている。その観点からは、腺癌等に強発現している癌遺伝子タンパク質であるHER-2/neu抗原も同類として分類される。即ち、HER-2/neuはHLA-A2結合性ペプチドを有し、癌退縮抗原として宿主キラーT細胞により認識される。ここに分類される抗原を腫瘍抗原タンパク質とした場合、普遍的に発現しているために広範な癌に応用可能と考えられるが、疾病特異性に乏しいため、正常組織に障害を与える可能性があり、またCTL誘導が困難である可能性(トランスのため)が考えられる。

【0009】MHC-非拘束性と考えられていたMUC-1抗原特異的CTLが同抗原由来ペプチドSTAPP AHGVをHLA-A11拘束性に認識すると報告され、またMAGE-3ペプチドを用いての臨床試験の初期成績が報告された(M. Marchand, et al., Int. J. Cancer 63:883-885, 1995)。これらは、癌退縮抗原を用いての癌ワクチン開発の可能性を示唆している。

【0010】これまでに同定された上記の抗原ペプチドはHER-2/neuを除き、その殆どがメラノーマから発見されており、発病頻度の高い扁平上皮癌や腺癌では全く報告されていない。しかし、我々は最近、食道扁平上皮癌よりHLA2601拘束性の癌抗原ペプチドが存在し宿主CTLによって認識されることを報告した

(M. Nakao, et al., Cancer Res. 55:4248-4252, 1995)。したがって、扁平上皮癌にも同様の抗原ペプチドをコードする腫瘍抗原タンパク質の存在することが示唆される。扁平上皮癌は、ヒトの癌で最も多く認められる癌のひとつであり、特に食道癌や肺癌での扁平上皮癌は現在の化学療法や放射線療法に比較的抵抗性を示すことが知られている。その点からも腫瘍抗原ペプチド等を用いた特異的免疫療法の開発が期待される。

【0011】

【発明が解決しようとする課題】本発明の課題は、扁平上皮癌等の幅広い腫瘍に応用でき、または応用可能な腫瘍に限られていてもその腫瘍の患者のうち多くの人に応用でき、またはその腫瘍の治療や診断を補完しつつ各種腫瘍に応用できる癌療法の一助となる腫瘍抗原タンパク質、腫瘍抗原ペプチド等を提供することにある。また、腫瘍において高発現している腫瘍抗原タンパク質は、一方で、正常組織にも発現しその腫瘍抗原タンパク質に由来する免疫反応が過剰に起こることで、自己免疫疾患を引き起こしているとも考えられている。例えば、化学療

法剤と I L - 2 を併用してメラノーマの治療を行った場合、白斑症状の出現が認められるとの報告がある(J. Clin. Oncol. 10:1338-1343, 1992)。これは、メラノーマに出現する腫瘍抗原タンパク質の断片ペプチドと MHC 複合体に対して C T L または抗体が誘導、産生され、正常組織である皮膚組織に作用することで自己免疫疾患様の症状である白斑症状が出現したためと考えられる。腫瘍抗原タンパク質に由来する特異的免疫が過剰に惹起されることにより自己免疫疾患が発症した場合には、腫瘍抗原タンパク質をコードする遺伝子の発現を妨ぐアンチセンス DNA や腫瘍抗原ペプチドのアンタゴニストなどを用いて、免疫反応を特異的にブロックする治療法が期待される。

【 0 0 1 2 】

【課題を解決するための手段】メラノーマ細胞以外の腫瘍細胞、特に扁平上皮癌等の治療や診断に幅広く応用できる腫瘍抗原タンパク質またはその対応する腫瘍抗原ペプチド等を得るために、扁平上皮癌からの腫瘍抗原タンパク質の同定を試みた。本発明者らは食道癌患者の末梢血リンパ球からリンパ球腫瘍混合培養法により、HLA-A2402 拘束性の腫瘍抗原ペプチドを認識する C T L (KE-4-CTL) を樹立した。この C T L は HLA-A2402 陽性の食道癌細胞株 KE-4 を強く障害する。そこで、サル腎細胞株 COS7 細胞に、KE-4 癌細胞株から作製した cDNA ライブラリーの組換えプラスミドと HLA-A2402 cDNA の組換えプラスミドを同時にトランスフェクトし、そのトランスフェクタントに KE-4-CTL 細胞を作用させ、KE-4-CTL 細胞が活性化されたか否かを IFN- γ の産生量で測定しスクリーニングした。その結果、メラノーマ以外の腫瘍細胞 KE-4 から本発明の腫瘍抗原タンパク質をコードする遺伝子をクローニ

ングすることに成功した。

【 0 0 1 3 】すなわち、本発明は、(1) 配列番号：1 のアミノ酸配列をコードするポリヌクレオチド分子、

(2) 配列番号：1 のアミノ酸配列において、1 もしくは複数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入または付加されたタンパク質をコードするポリヌクレオチド分子、

(3) 配列番号：1 の塩基配列からなるポリヌクレオチド分子、(4) 配列番号：1 の塩基配列において、1 もしくは複数個の塩基が置換、欠失、挿入または付加されたポリヌクレオチド分子、および (5) 前記 (1) ~

(4) のいずれかのポリヌクレオチド分子にストリンジエントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチド分子からなる群より選択されるポリヌクレオチド分子であって、該ポリヌクレオチド分子がコードするタンパク質の一部からなるペプチドが主要組織適合遺伝子複合体 (MHC) クラス I 抗原と結合して T 細胞により認識される腫瘍抗原ペプチドであるポリヌクレオチド分子；本発明のポリヌクレオチド分子によりコードされる腫瘍抗原タンパク質；本発明の腫瘍抗原タンパク質の部分ペプチドであって MHC クラス I 抗原と結合して T 細胞によ

り認識される腫瘍抗原ペプチドまたはその誘導体；本発明の腫瘍抗原タンパク質または腫瘍抗原ペプチドもしくはその誘導体を含有する医薬；本発明の腫瘍抗原タンパク質または腫瘍抗原ペプチドもしくはその誘導体に対する抗体；本発明の腫瘍抗原ペプチドまたはその誘導体をコードするオリゴヌクレオチド分子、好ましくは腫瘍抗原タンパク質をコードしている塩基配列が配列番号：1 の塩基配列である該オリゴヌクレオチド分子；配列番号：1 の腫瘍抗原タンパク質をコードするポリヌクレオチド分子のコーディング配列またはその 5' ノンコーディング配列中の塩基配列と相補的な配列からなるオリゴヌクレオチド分子またはその化学的修飾体；本発明のポリヌクレオチドまたはオリゴヌクレオチド分子もしくはその化学的修飾体を含有する医薬；本発明のポリヌクレオチドまたはオリゴヌクレオチド分子を有するプラスミド；および本発明のプラスミドによって形質転換された形質転換体、に関する。

【 0 0 1 4 】

【発明の実施の形態】本明細書中で使用している用語の意義を明らかにするとともに、発明の実施形態を説明する。本発明のポリヌクレオチド分子は、新規な腫瘍抗原タンパク質をコードするものであり、(1) 配列番号：1 のアミノ酸配列をコードするポリヌクレオチド分子、

(2) 配列番号：1 のアミノ酸配列において、1 もしくは複数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入または付加されたタンパク質をコードするポリヌクレオチド分子、

(3) 配列番号：1 の塩基配列からなるポリヌクレオチド分子、(4) 配列番号：1 の塩基配列において、1 もしくは複数個の塩基が置換、欠失、挿入または付加されたポリヌクレオチド分子、および (5) 前記 (1) ~

(4) のいずれかのポリヌクレオチド分子にストリンジエントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチド分子、からなる群より選択され、該ポリヌクレオチド分子がコードするタンパク質の一部からなるペプチドは、主要組織適合遺伝子複合体 (MHC) クラス I 抗原と結合して T 細胞により認識される腫瘍抗原ペプチドである。

【 0 0 1 5 】本発明のポリヌクレオチド分子は DNA または RNA の形態をとることができ、DNA には cDNA、ゲノム DNA および合成 DNA が包含される。また、DNA および RNA は一本鎖または二本鎖であってよく、一本鎖の場合はセンス鎖またはアンチセンス鎖の両者が包含され得る。

【 0 0 1 6 】ある塩基配列のうち一部が置換、欠失、挿入または付加されたポリヌクレオチド分子は、Molecular Cloning: A Laboratory Manual 第 2 版 第 1 - 3 巻 Sambrook, J. ら著、Cold Spring Harbor Laboratory Press 出版 New York 1989 年などに記載の方法によって製造することができ、例えば部位特異的変異誘発や PCR 法などにより製造できる。本発明のポリヌクレオチド分子はこれらの変異型ポリヌクレオチド分子も包含する。か

かる変異型ポリヌクレオチド分子としては、例えば、配列番号：1の塩基配列において1もしくは複数個の塩基が置換、欠失、挿入または付加されたポリヌクレオチド分子が挙げられる。また、本発明のポリヌクレオチド分子には「本発明のポリヌクレオチド分子にストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチド分子」も包含される。ポリヌクレオチド分子としてDNA分子を代表例にとると、「DNA分子にストリンジェントな条件下でハイブリダイズするDNA分子」は、例えば前述のMolecular Cloningに記載の方法によって得ることができる。ここで、「ストリンジェントな条件下でハイブリダイズする」とは、例えば、6×SSC、0.5% SDSおよび50%ホルムアミドの溶液中で42℃にて加温した後、0.1×SSC、0.5% SDSの溶液中で68℃にて洗浄する条件でも依然として陽性のハイブリダイズのシグナルが観察されることを表す。

【0017】本発明の腫瘍抗原タンパク質は、前記ポリヌクレオチド分子によりコードされるタンパク質である。

【0018】「本発明のポリヌクレオチド分子がコードするタンパク質の一部からなるペプチドがMHCクラスI抗原と結合してT細胞により認識される腫瘍抗原ペプチド」とは、腫瘍抗原タンパク質の連続した少なくとも7個、好ましくは7～10個、特に好ましくは9個の連続するアミノ酸配列からなる部分ペプチドであって、細胞表面のMHCクラスI抗原と結合して細胞表面に提示された場合、その結合体に対して特異的に結合するT細胞が結合するとそのT細胞にシグナルを伝えることができる、即ちT細胞に認識されるMHCクラスI抗原との結合体を形成できるそのようなペプチドを意味する。なお、ここでの「結合」とは非共有結合である。

【0019】ペプチドがMHCクラスI抗原に結合してT細胞に認識されることを確かめる方法としては、例えば、ペプチドを適当な細胞に内因性に発現させるか、または外部から加える（パルスする）ことによりMHCクラスI抗原に結合させることで細胞表面にペプチドを提示させ、つづいて、そのペプチド提示細胞に対して腫瘍抗原タンパク質特異的なT細胞を作用させ、そのペプチド提示細胞が傷害を受けた際に産生されるサイトカイン（インターフェロン α やTNF α 、およびCTLが産生するサイトカイン）を測定する方法などがある。また、ペプチド提示細胞の傷害を測定する方法として、 ^{51}Cr で標識したペプチド提示細胞を用いる方法も使用できる。ここで、認識するT細胞としては、CTLを用いるのが好ましい。

【0020】本発明に係る腫瘍抗原タンパク質または腫瘍抗原ペプチドは例えば、以下のようにして同定することができる。まず、これらの同定に際し、MHCクラスIアレルの一致した腫瘍細胞およびこの細胞を攻撃するCTLのセットを用意する。次いで、腫瘍細胞のMH

CクラスI抗原に結合している腫瘍抗原ペプチドを酸性化して抽出し、高速液体クロマトグラフィーで分離された種々のペプチドを、抗原提示MHCを発現しているが腫瘍抗原タンパク質を発現していない細胞（例えば、同一患者のB細胞など）にパルスし、CTLの反応を調べることにより腫瘍抗原ペプチドを同定し、さらにマスペクトロメタリーなどを用いて配列を決定する方法である。この方法によって、メラノーマ細胞からgp100と同一分子のPmel17由来の腫瘍抗原ペプチドが同定されている(Science 264: 716-719, 1994)。

【0021】あるいは、上記のような腫瘍抗原ペプチドを直接同定する方法とは異なり、腫瘍抗原タンパク質をコードする遺伝子を決定してさらにその対応する腫瘍抗原ペプチドを同定する方法もある。これは、分子生物学的手法を用いて腫瘍抗原タンパク質をコードする遺伝子をクローニングするものである。腫瘍細胞からcDNAを調製し、そのcDNAを腫瘍抗原タンパク質を発現していない細胞（例えばCOS細胞など）に抗原提示MHCクラスI抗原遺伝子とともにトランスフェクトして一過的にそれらを発現させ、それに対するCTLの反応性によりスクリーニングを繰り返し行い、腫瘍抗原タンパク質をコードする遺伝子を単離する。この方法により、上記のMAGE、チロシナーゼ、MART-1、gp100、gp75の遺伝子がクローニングされている。

【0022】この腫瘍抗原遺伝子の情報から実際にMHCクラスI抗原に結合して提示されている腫瘍抗原ペプチドを推定、同定するためには次のような方法を用いる。まず、PCR、エキソヌクレアーゼ、制限酵素などにより様々なサイズの腫瘍抗原タンパク質をコードする遺伝子のフラグメントを作製し、抗原提示MHCクラスI抗原遺伝子とともに腫瘍抗原タンパク質を発現していない細胞（例えばCOS細胞など）にトランスフェクトして一過性に発現させ、CTLの反応性により腫瘍抗原ペプチドを含む領域を限定する。その後、ペプチドを合成し、抗原提示MHCクラスI抗原は発現しているが腫瘍抗原タンパク質を発現していない細胞にパルスし、同様にCTLの反応を調べることにより腫瘍抗原ペプチドを同定できる(J.Exp.Med. 176: 1453, 1992、J.Exp.Med. 179: 24, 759, 1994)。

【0023】また、HLA-A1、-A0201、-A0205、-A11、A31、-A6801、-B7、-B8、-B2705、-37、-Cw0401、-Cw0602などのMHCクラスI抗原の型については、結合して提示されるペプチドの配列の規則性（モチーフ）が判明しており(seminars inIMMUNOLOGY 5: 81-94, 1993)、それを参考にして腫瘍抗原ペプチドの候補を調べ、そのペプチドを結合して上記と同様な方法で確認する方法も用いられる(Eur.J. Immunol, 24: 759, 1994, J.Exp.Med. 180: 347, 1994)。

【0024】本発明においては、配列番号：1のアミノ酸配列において、HLA-A24抗原に結合して提示される9

10

20

30

40

50

マーのモチーフを参考にして腫瘍抗原ペプチドの候補を調べたところ、それぞれ配列番号：2～11に示されるP1～P10のペプチドが腫瘍抗原ペプチドの候補として挙げられる(表1)。CTLの反応性という観点から、P2(配列番号：3)、P3(配列番号：4)、P

8(配列番号：9)、P9(配列番号：10)およびP10(配列番号：11)のペプチドが好ましく、P9のペプチドがより好ましい。

【0025】

【表1】

SART-2タンパク質の推定HLA-A24結合ペプチド

ペプチド	配 列	アミノ酸の位置
P1 (配列番号：2)	DYSARWNEI	93-101
P2 (配列番号：3)	AYDFLYNYL	161-169
P3 (配列番号：4)	AYLWTKQVL	229-237
P4 (配列番号：5)	MYRTILPGF	297-305
P5 (配列番号：6)	LYGPKYTFF	472-480
P6 (配列番号：7)	KYTFFNNVL	476-484
P7 (配列番号：8)	NYVNVMTML	645-653
P8 (配列番号：9)	AYLFIGPSI	661-669
P9 (配列番号：10)	SYTRLFLIL	899-907
P10 (配列番号：11)	TYFQRAQSL	921-927

*HLA-A24結合モチーフは2番目のアミノ酸がYで、C末端のアミノ酸がF、LまたはIである(Immunogenetics 41: 178, 1995)。

【0026】この様にして決定されたペプチドは、通常のペプチド化学において知られている方法で製造することができる。例えば、"Peptide Synthesis", Interscience, New York, 1996, "The Proteins", Vol. 2, Academic Press Inc., New York, 1976, 「ペプチド合成」丸善(株)、1975, 「ペプチド合成の基礎と実験」丸善(株)、1985, 等に記載されている方法等が挙げられる。すなわち、C末端部位の構成により液相法、固相法のいずれかを選択して合成することができ、なかでも液相法がより好ましい。すなわち、アミノ酸の官能基を適当な保護基で適宜保護および脱保護を行い、アミノ酸を、1残基または数残基ずつ結合させることでペプチドを製造することができる。なお、アミノ酸の官能基の保護基については、例えば前述のペプチド化学について記載する書籍等に記載されている。

【0027】本明細書中、「本発明の腫瘍抗原ペプチドの誘導体」とは、本発明の腫瘍抗原ペプチドのアミノ酸配列のうち1つまたは複数個が置換、欠失、挿入または付加されたペプチドを意味する。好ましい誘導体としては、腫瘍抗原ペプチドのうちでCTLとの結合に関与するエピトープ領域はそのままであってMHCクラスI抗原との結合に関与するアミノ酸残基が置換、欠失、挿入または付加された誘導体が挙げられ、さらに好ましくはその誘導体であって一つのアミノ酸残基のみを置換したものが挙げられる(Immunol. 84: 298-303, 1995)。かかる誘導体は、CTLとの結合性はそのまま維持しつつ、MHCクラスI抗原により強く結合可能であるた

め、さらに有用な腫瘍抗原ペプチドとして適用ができる。

【0028】このような誘導体は、例えばMolecular Cloning: A Laboratory Manual第2版第1-3巻 Sambrook, J.ら著、Cold Spring Harbor Laboratory Press 出版 New York 1989年に記載の方法で調製することができ、部位特異的変異誘発やPCR法などの方法によって調製することができる。

【0029】従って、本発明の腫瘍抗原ペプチドまたはその誘導体は、後述の本発明のオリゴヌクレオチド分子によりコードされるものである。

【0030】また、「本発明の誘導体」には、本発明の腫瘍抗原ペプチドまたは該ペプチドの一部のアミノ酸残基を置換、欠失、挿入または付加した誘導体のアミノ基もしくはカルボキシル基を修飾した誘導体も包含される。

【0031】アミノ基の修飾基としては、例えばアシル基が挙げられ、具体的には炭素数1から6のアルカノイル基、フェニル基で置換された炭素数1から6のアルカノイル基、炭素数5から7のシクロアルキル基で置換されたカルボニル基、炭素数1から6のアルキルスルホニル基、フェニルスルホニル基等が挙げられる。

【0032】カルボキシル基の修飾基としては、例えばエステル基およびアミド基が挙げられ、エステル基の具体例としては、炭素数1から6のアルキルエステル基、フェニル基で置換された炭素数0から6のアルキルエステル基、炭素数5から7のシクロアルキルエステル基等

が挙げられ、アミド基の具体例としては、アミド基、炭素数 1 から 6 のアルキル基 1 つまたは 2 つで置換されたアミド基、フェニル基で置換された炭素数 0 から 6 のアルキル基 1 つまたは 2 つで置換されたアミド基、アミド基の窒素原子を含んで 5 から 7 員環のアザシクロアルカンを形成するアミド基等が挙げられる。

【0 0 3 3】本発明はさらに、本発明の腫瘍抗原タンパク質または腫瘍抗原ペプチドもしくはその誘導体を含有する医薬を提供する。本発明の腫瘍抗原タンパク質および腫瘍抗原ペプチドは、細胞性免疫が効果的に成立するようにアジュバントとともに投与したり、粒子状の剤型にして投与することができる。アジュバントとしては、文献 (Clin. Microbiol. Rev. 7:277-289, 1994) に記載のものなどが応用可能である。また、剤型としては、リポソーム製剤、直径数 μm のビーズに結合させた粒子状の製剤、リピッド (脂質) を結合させた製剤など外因性の抗原ペプチドを MHC クラス I 抗原へ効率良く抗原提示させうる投与方法が用いられる。また、腫瘍抗原ペプチドをパルスした樹状細胞やマイクロファージなどの抗原提示細胞や腫瘍抗原タンパク質をコードする DNA を導入した細胞を投与する方法も考えられる。製剤中の本発明の腫瘍抗原タンパク質および腫瘍抗原ペプチドの投与量は、治療目的の疾患、患者の年齢、体重等により適宜調整することができるが、通常 0.0001mg ~ 1000mg、好ましくは 0.001mg ~ 1000mg であり、これを数日ないし数月に 1 回投与するのが好ましい。

【0 0 3 4】本発明の腫瘍抗原タンパク質または腫瘍抗原ペプチドもしくはその誘導体に対する「抗体」は、例えば、Antibodies; A Laboratory Manual, Lane, H. D. 編, Cold Spring Harbor Laboratory Press 出版 New York 1989 年などに記載の方法により、腫瘍抗原タンパク質またはその断片ペプチドを用いて適切な方法で適切な動物を免疫することにより、腫瘍抗原タンパク質を認識する抗体、あるいはその活性を中和する抗体を容易に作製できる。抗体の用途としては、アフィニティークロマトグラフィー、cDNA ライブラリーのスクリーニング、免疫学的診断法、医薬等が挙げられる。免疫学的診断法は、イムノブロット法、放射免疫測定法 (RIA)、酵素免疫測定法 (ELISA)、蛍光あるいは発光測定法等より適宜選択できる。

【0 0 3 5】本発明はさらに、本発明の腫瘍抗原ペプチドまたはその誘導体をコードするオリゴヌクレオチド分子に関する。本発明のオリゴヌクレオチド分子は DNA または RNA の形態をとることができ、DNA には cDNA、ゲノム DNA および合成 DNA が包含される。また、DNA および RNA は一本鎖または二本鎖であってよく、一本鎖の場合はセンス鎖またはアンチセンス鎖の両者が包含され得る。

【0 0 3 6】ある塩基配列のうち一部が置換、欠失、挿入または付加されたオリゴヌクレオチド分子は、前記ポ

リヌクレオチド分子と同様の部位特異的変異誘発や PCR 法などにより製造できる。本発明のオリゴヌクレオチド分子は、これらの変異型オリゴヌクレオチド分子も包含する。かかる変異型オリゴヌクレオチド分子としては、例えば、配列番号: 1 の塩基配列において 1 もしくは複数個の塩基が置換、欠失、挿入または付加されたオリゴヌクレオチド分子が挙げられる。また、本発明のオリゴヌクレオチド分子には「本発明のオリゴヌクレオチド分子にストリンジントな条件下でハイブリダイズするオリゴヌクレオチド分子」も包含される。オリゴヌクレオチド分子として DNA 分子を代表例にとると、「DNA 分子にストリンジントな条件下でハイブリダイズする DNA 分子」は、例えば前記ポリヌクレオチド分子と同様の条件によって得ることができ、ここで、「ストリンジントな条件下でハイブリダイズする」とは、例えば、前記ポリヌクレオチド分子において記載された条件が挙げられる。

【0 0 3 7】また、本発明の腫瘍抗原タンパク質または腫瘍抗原ペプチドをコードする DNA を発現させることによって、腫瘍抗原タンパク質または腫瘍抗原ペプチドを大量に製造することが可能となる。

【0 0 3 8】DNA を発現してタンパク質を生産するには、例えば、前述の Molecular Cloning 等の多くの成書や文献に基づいて実施することができる。発現させたい DNA の上流に翻訳開始コドンを、下流には翻訳終始コドンを付加し、転写を制御するプロモーター配列 (例えば、trp、lac、T7、SV40 初期プロモーター) 等の制御遺伝子を付加し、適当なベクター (例えば、pBR322、pUC19、pSV・SPORT1 など) に組み込むことにより、宿主細胞内で複製し、機能する発現プラスミドを作製する。

【0 0 3 9】次に、発現プラスミドを適当な宿主細胞に導入して形質転換体細胞を得る。宿主細胞としては、大腸菌などの原核生物、酵母のような単細胞真核生物、昆虫、動物などの多細胞真核生物の細胞などが挙げられる。また、宿主細胞への遺伝子導入法としては、リン酸カルシウム法、DEAE-デキストラン法、電気パルス法などがある。形質転換体は、適当な培地で培養することによって目的とするタンパク質を生産する。以上のようにして得られたタンパク質は一般的な生化学的方法によって単離精製することができる。

【0 0 4 0】これらの本発明のプラスミドによって形質転換された形質転換体も本発明の範囲に包含される。

【0 0 4 1】本発明はさらに、本発明のポリヌクレオチド分子またはオリゴヌクレオチド分子もしくはその化学的修飾体を含有する医薬に関する。本発明のポリヌクレオチド分子またはオリゴヌクレオチド分子を含有する「医薬」は、例えば、本発明の DNA を腫瘍患者等に投与することで腫瘍を治療または予防することができる。本発明の DNA を投与し細胞内に導入する方法としては、ウ

イルスベクターによる方法およびその他の方法（日経サイエンス、1994年4月号、20-45頁、月刊薬事、36(1)23-48(1994)、実験医学増刊、12(15)、(1994)、およびこれらの引用文献等）のいずれの方法も適用することができる。

【0042】ウイルスベクターによる方法としては、例えばレトロウイルス、アデノウイルス、アデノ関連ウイルス、ヘルペスウイルス、ワクシニアウイルス、ボックスウイルス、ポリオウイルス、シンドビスウイルス等のRNAウイルスまたはDNAウイルスに本発明のDNAを組み込んで導入する方法が挙げられる。この中で、レトロウイルス、アデノウイルス、アデノ関連ウイルス、ワクシニアウイルス等を用いた方法が特に好ましい。

【0043】その他の方法としては、発現プラスミドを直接筋肉内に投与する方法（DNAワクチン法）、リポソーム法、リポフェクティン法、マイクロインジェクション法、リン酸カルシウム法、エレクトロポレーション法等が挙げられ、特にDNAワクチン法、リポソーム法が好ましい。

【0044】これらの本発明のポリヌクレオチド分子またはオリゴヌクレオチド分子を有するプラスミドも本発明の範囲に含まれる。

【0045】本発明の腫瘍抗原ペプチドをコードする遺伝子を実際に医薬として作用させるには、遺伝子を直接体内に導入するin vivo方法、およびヒトからある種の細胞を採取し体外で遺伝子を該細胞に導入しその細胞を体内に戻すex vivo方法がある（日経サイエンス、1994年4月号、20-45頁、月刊薬事、36(1)23-48(1994)、実験医学増刊、12(15)、(1994)、およびこれらの引用文献等）。in vivo方法がより好ましい。

【0046】in vivo方法により投与する場合は、治療目的の疾患、症状等に応じた適当な投与経路により投与され得る。例えば、静脈、動脈、皮下、筋肉内などに投与することが出来る。in vivo方法により投与する場合は、例えば、液剤等の製剤形態をとりうるが、一般的には有効成分である本発明のDNAを含有する注射剤等とされ、必要に応じて、慣用の担体を加えてもよい。また、本発明のDNAを含有するリポソームまたは膜融合リポソーム（センダイウイルス（HVJ）-リポソーム等）においては、懸濁剤、凍結剤、遠心分離濃縮凍結剤等のリポソーム製剤の形態とすることができる。

【0047】製剤中の本発明のDNA含量は、治療目的の疾患、患者の年齢、体重等により適宜調整することができるが、通常本発明のDNAとして、0.0001mg~100mg、好ましくは0.001mg~10mgであり、これを数日ないし数月に1回投与するのが好ましい。

【0048】本発明はさらに、配列番号：1のアミノ酸配列を有する腫瘍抗原タンパク質をコードするポリヌクレオチド分子のコーディング配列またはその5'ノンコーディング配列中の塩基配列と相補的な配列からなるオ

リゴヌクレオチド分子またはその化学的修飾体に関する。好ましくは、配列番号：1の塩基配列（構造遺伝子部分）からなるポリヌクレオチド分子のコーディング配列またはその5'ノンコーディング配列中の塩基配列と相補的な配列をもつ9塩基以上からなるDNAもしくはRNAである。このようなDNAもしくはRNAとは、二本鎖DNAのアンチセンス鎖のDNAまたはそのアンチセンス鎖のDNAに対応するRNAであって9塩基以上からなるもの（以下、アンチセンスオリゴヌクレオチドという）をいう。

【0049】このアンチセンスオリゴヌクレオチドは、例えば本発明の腫瘍抗原タンパク質をコードする遺伝子の塩基配列を基にしてDNAとして製造するか、またこのDNAをアンチセンスの向きに遺伝子発現プラスミドに組み込むことで容易に対応するRNAを製造することができる。

【0050】このアンチセンスオリゴヌクレオチドは、本発明の遺伝子であるcDNAのコーディング部分、5'ノンコーディング部分のいずれの部分の相補的な配列であってもよいが、好ましくは転写開始部位、翻訳開始部位、5'非翻訳領域、エクソンとイントロンとの境界領域もしくは5'CAP領域に相補的な配列であることが望ましい。

【0051】「オリゴヌクレオチド分子の化学的修飾体」とは、DNAまたはRNAの細胞内への移行性または細胞内での安定性を高めることができる化学的修飾体を表し、例えば、ホスホチオエート、ホスホロジチオエート、アルキルホスホトリエステル、アルキルホスホナート、アルキルホスホアミデート等の誘導体（Antisense RNA and DNA WILEY-LISS刊 1992 P.1-50）が挙げられる。この化学的修飾体は、同文献等に従って製造することができる。

【0052】本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチドまたはその化学的修飾体を用いて、腫瘍抗原タンパク質をコードする遺伝子の発現を制御することができる。この方法によって腫瘍抗原タンパク質の生産量を減らすことで、自己免疫疾患を治療または予防することができる。このようなアンチセンスオリゴヌクレオチドを含有する医薬も本発明に包含される。

【0053】アンチセンスオリゴヌクレオチドをそのまま投与する場合は、このアンチセンスオリゴヌクレオチドの好ましい長さとしては、例えば5~200塩基のものが挙げられる。

【0054】また、アンチセンスオリゴヌクレオチドを発現プラスミドに組み込む場合は、このアンチセンスオリゴヌクレオチドの好ましい長さとしては、例えば100塩基以上が挙げられ、好ましくは300塩基以上が挙げられ、さらに好ましくは500塩基以上が挙げられる。

【0055】アンチセンスオリゴヌクレオチドを発現プ

10

20

30

40

50

ラスミドに組み込む場合、このアンチセンスオリゴヌクレオチドを細胞に導入する方法としては例えば、実験医学12巻 1994年に述べられている方法が挙げられ、リポソームや組換えウイルスなどを利用した方法が挙げられる。アンチセンスオリゴヌクレオチドの発現プラスミドは通常の発現ベクターを用いてプロモーターの後ろに逆向きに、すなわち本発明の遺伝子が3' から5' の向きに転写されるように、本発明の遺伝子をつなぐだけで簡単に作製できる。

【0056】このようなアンチセンスオリゴヌクレオチドを有するプラスミドも本発明に包含される。アンチセンスオリゴヌクレオチドまたはその化学的修飾体をそのまま投与する場合、安定化剤、緩衝液、溶媒などと混合して製剤された後、投与時には抗生物質、抗炎症剤、麻酔薬などと同時に用いることもできる。こうして作製された製剤は様々な方法で投与可能である。投与は連日または数日から数週間おきになされるのが好ましい。また、この様な頻回の投与を避けるために徐放性のミニベレット製剤を作製し患部近くに埋め込むことも可能である。あるいはオスモチックポンプなどを用いて患者に連続的に徐々に投与することも可能である。通常投与量は作用部位における濃度が0.1nM-10 μ M になるように調製する。

【0057】このようなアンチセンスオリゴヌクレオチドまたはその化学的修飾体を含有する医薬も本発明に包含される。

【0058】

【実施例】以下、実施例により本発明をさらに詳しく説明するが、本発明はこれらの実施例によってなんら限定されるものではない。

【0059】参考例1

食道癌細胞株に対する細胞傷害性T細胞 (CTL) 株の樹立

67歳男性の食道癌患者末梢血リンパ球をリンパ球腫瘍混合培養法により、インターロイキン2存在下で約60日間、5%炭酸ガス(95%空気)培養器にて培養した。その間、培養28日目以降、頻回に培養して増殖するT細胞の各種癌細胞に対する細胞障害能を⁵¹Cr遊離法とIFN- γ 測定法にて解析した。その結果、培養39日目～49日目のT細胞がCD8陽性のキラーT細胞を主体とし、かつMHCクラスI抗原のうちのHLA-A2402拘束性のCTL活性を示すことが判明した。HLA-A2402陽性の癌細胞中、扁平上皮癌であるKE-4細胞株(M. Nakaoら, Cancer Research 55, 4248-4252, 1995)が最も高い感受性を上記CTLに対して示した。そこで、上記CTL(KE-4-CTLと命名)を大量に液体窒素添加細胞凍結保存用タンクに保存し、CTLの認識する癌退縮抗原遺伝子のクローニングに備えた。

【0060】参考例2

HLA-A2402 cDNAの組換えプラスミドの調製

中尾ら著, Cancer Res. 55:4248-252(1995)の教示に従い、KE-4細胞由来のHLA-A2402 cDNAを発現ベクターpCR3 (INVITROGEN社製)に組み込み、組換えプラスミドを作製した。

【0061】参考例3

KE-4細胞cDNAライブラリー作製

mRNA精製システム(ファルマシアバイオテック社製)を用い添付のプロトコールに従い、KE-4細胞から全RNA画分の分離およびオリゴ(dT)カラムによるポリ(A)⁺ mRNAの調製を行った。mRNAよりスーパースクリプトプラスミドシステム(GIBCO BRL社製)を用い添付のプロトコールに従い、両端にNot IアダプターとSal Iアダプターを連結したcDNAを作製した後、このcDNAを発現ベクターpSV-SPORT1(GIBCO BRL社製)の制限酵素Not IおよびSal Iの切断部位に連結して組換えプラスミドを得た。この組換えプラスミドをジーンバルサー(Bio-Rad社製)を用いて25 μ F, 200 Ω , 2.5kVの条件で、電気パルスにより大腸菌のエレクトロマックスDH10B/p3⁺セル(GIBCO BRL社製)に導入し、アンピシリン(50 μ g/ml)を含むLB培地(1%バクトトリプトンTM、0.5%NaCl、pH7.3)上にて組換えプラスミドが導入されている形質転換体を選択した。

【0062】参考例4

インターフェロン- γ の定量

インターフェロン- γ (IFN- γ)の定量は、エンザイムイムノアッセイ(ELISA)により行った。96ウェルマイクロプレートに一次抗体として抗ヒトIFN- γ マウスモノクローナル抗体を吸着させ、ウシ血清アルブミンで非特異的結合をブロックした後、検体中のIFN- γ を抗体に結合させた。次に二次抗体として抗ヒトIFN- γ ウサギポリクローナル抗体を結合させ、さらにペルオキシダーゼ標識した抗ウサギ免疫グロブリンロバ抗体を結合した後、発色剤としてTMBZ(テトラメチルベンジジン)を反応させ、2N H₂SO₄を等量加えて反応を停止させた後、吸光度(450 nm)を測定した。これを標準品のIFN- γ より得られた値と比較することにより定量した。

【0063】実施例1

腫瘍抗原タンパク質遺伝子のスクリーニング

まず、参考例3にて調製した形質転換体のプールから組換えプラスミドDNAを回収する。アンピシリン(50 μ g/ml)を含むLB培地の入った96ウェルU底マイクロプレートにウェルあたり100-200個の形質転換体を加え培養後、その一部をウェル当たり0.3mlのTYGPN培地(F. M. Ausubelら編, CURRENT PROTOCOLS IN MOLECULAR BIOLOGY, John Wiley & Sons, Inc.)の入った別の96ウェルU底マイクロプレートに移して37℃で48時間培養し、残りのLB培地のマイクロプレートは凍結保存した。TYGPN培地で培養した形質転換体の組換えプラスミドDNAは、マイクロプレートでアルカリ溶解法(F. M. Ausubelら編, CURRENT PROTOCOLS IN MOLECULAR BIOLOGY, John

Wiley & Sons, Inc.) により調製した。イソプロパノール沈殿で回収した組換えプラスミドDNA は、50 μ l の 20 ng / ml RN アーゼを含む 10 mM Tris , 1 mM EDTA, pH 7.4 溶液に懸濁した。

【 0 0 6 4 】次に、上記にて調製した組換えプラスミド DNA と参考例 2 にて調製した HLA-A2402 cDNA の組換えプラスミドを COS7 細胞 (Gluzan, Y. Cell, 23: 175-182, 19 81) にリポフェクション法により同時にトランスフェクトする。COS7 細胞を 96 ウェル平底マイクロプレートのウェル当たり 1 $\times 10^4$ 個を加え、100 μ l の 10% FCS を含む RPMI 培養液で 1 日培養した。形質転換体約 100 個分の KE-4 cDNA の組換えプラスミド 25 μ l に参考例 2 にて調製した HLA-A2402 cDNA の組換えプラスミド 100 ng を加え、さらに約 100 倍に希釈したリポフェクション試薬 (リポフェクタミン, GIBCO-BRL 社製) 25 μ l を加えた。得られた混合液 50 μ l (リボソームと組換えプラスミドの融合懸濁液) を、培養した COS7 細胞に加えてダブルトランスフェクトした。トランスフェクタントは 2 点ずつ用意した。トランスフェクタントは 48~72 時間、37℃ で培養した後、培養液を除去し、ウェル当たり 1 $\times 10^4$ 個の KE-4 C T L を加えて 100 μ l の 10% ヒト血清と 50 U / ml の IL-2 を含む培養液で 37℃ で 16~24 時間培養した。培養液を回収し、IFN- γ を ELISA で測定した。

【 0 0 6 5 】次いで、ELISA によって高い IFN - γ 産生が認められた 8 群について、該当する凍結保存しておいた KE-4 cDNA の組換えプラスミドによる形質転換体約 100 ~ 200 クローン / ウェルのプールを用いてさらに以下のようにスクリーニングを行う。形質転換体のプールを約 6 時間 LB (アンピシリン 50 μ g / ml を含む) 培地にて培養し、さらに培養物をアンピシリン (50 μ g / ml) を含む LB 寒天培地のプレートにまいて 1 日培養し、得られた単一コロニー各群 200 コロニー、合計 8 \times 200 コロニーをそれぞれ 9 6 穴マイクロプレートの各ウェルに移し、ウェル当たりの形質転換体が 1 種類となる条件で上記と同様の方法で培養し、KE-4 cDNA の組換えプラスミド DN A を調製した。さらに上記と同様の方法により KE-4 cDN A の組換えプラスミドと HLA-A2402 cDNA の組換えプラスミドとを COS7 細胞にダブルトランスフェクトし、引き続いて KE-4- C T L との混合培養を行い、KE-4- C T L が反応して産生した培養液中の IFN- γ を定量し、陽性プラスミドを選択した。この操作により、KE-4- C T L と反応する KE-4 細胞 cDNA 組換えプラスミドクローンが選択され、SART-2 と命名した。SART-2 について、さらにもう一度、同様の操作を繰り返して KE-4- C T L による IFN- γ の産生を確認した。

【 0 0 6 6 】実施例 2

腫瘍抗原遺伝子の塩基配列決定

目的の腫瘍抗原遺伝子の cDNA が組み込まれた組換えプラスミドを持つ形質転換体 SART-2 をそれぞれ、500 ml のアンピシリン (50 μ g / ml) を含む LB 培地で 37℃ で 14~16

時間培養し、遠心分離にて菌体を回収した。菌体から PL ASMID MAXI キット (QIAGEN 社製) に従い、組換えプラスミドを回収した。cDNA は、SP6 RNA ポリメラーゼプロモーター配列と T7 RNA ポリメラーゼプロモーター配列に挟まれた部位に組み込まれている。そこで文献 (DNA 4: 165, 1985) に記載の SP6 プロモータープライマーおよび T7 プロモータープライマーを合成した。次に、SP6 プロモータープライマーまたは T7 プロモータープライマーを Fluore-dATP Labeling Mix (ファルマシアバイオテック社製) および AutoRead Sequencing Kit (ファルマシアバイオテック社製) と組み合わせてジデオキシシークエンシング反応を行い、蛍光 DNA シーケンサー (ファルマシアバイオテック社製) を使用し、両端から cDNA の塩基配列を決定した。SART-2 cDNA の塩基配列は全長が 3998 塩基対と決定され、配列番号: 1 の通りであった。また、SART-2 cDNA の塩基配列から推定される最長のオープンリーディングフレームを有するアミノ酸配列を配列番号: 1 および図 1 に示す。

【 0 0 6 7 】Gene Works データベースを使用し、配列番号: 1 に記載の塩基配列の検索を行った。その結果、SART-2 遺伝子は、第 6 染色体長腕 (6 q 2 2) 上に存在していた。

【 0 0 6 8 】実施例 3

SART-2 クローンの活性断片の特定

実施例 2 で得られた SART-2 cDNA から、様々なサイズの C 末端欠失変異体腫瘍抗原タンパク質をコードする遺伝子の断片を作製した。この断片を含む組換えプラスミド DN A と参考例 2 にて調製した HLA-A2402 cDNA の組換えプラスミドを COS7 細胞に実施例 1 に記載の手法によりダブルトランスフェクトし、IFN- γ 産生量を ELISA によって測定した。得られた結果は、トリプリケートの平均値を示し、関連性のない遺伝子を HLA-A2402 遺伝子とダブルトランスフェクトしたネガティブコントロールへの反応性に対して、いずれも有意差 ($p < 0.05$) が認められた (図 3)。

【 0 0 6 9 】図 3 より、C 末端欠失変異体腫瘍抗原タンパク質は、全長の SART-2 腫瘍抗原タンパク質に比べて IFN- γ 産生量が低下しており、低下の程度から SART-2 の腫瘍抗原ペプチドは、N 末端側と C 末端側に存在していることが示唆された。

【 0 0 7 0 】また、HLA-A24 の MHC クラス I 抗原の型については、結合して提示されるペプチドの配列の規則性 (モチーフ) が判明しており (Seminars in IMMUNOL OGY 5: 81-94, 1993)、それを参考にして腫瘍抗原ペプチドの候補を調べたところ、表 1 に示される 10 個のペプチド P 1 ~ P 1 0 (配列番号: 2 ~ 1 1) が腫瘍抗原ペプチドの候補として挙げられた。

【 0 0 7 1 】前記ペプチドを常法により合成し、最終濃度 10 μ g / ml となるように 10% FCS 添加 RPMI 640 培養液に加え、HLA-A2402 cDNA をトランスフェクトした COS7 細胞

にパルスし、前記と同様にIFN- γ 産生量を調べることに
より腫瘍抗原ペプチドを同定した(図4)。

【0072】図4より、P2(配列番号:3)、P3
(配列番号:4)、P8(配列番号:9)、P9(配列
番号:10)およびP10(配列番号:11)が活性が
あり、このうちP9が最も活性が高いことが示された。

【0073】実施例4

腫瘍抗原タンパク質のHLA-A2402 拘束性の同定

異なる量(0~400ng/ウェル)のSART-2遺伝子を含むプ
ラスミドベクターを、一定量(100ng/ウェル)のHLA-A2 10
402 cDNAまたはHLA-A2601 cDNAとダブルトランスフェク
トしたCOS7細胞それぞれに対して、KE-4-CTLが用量
依存的に反応するかどうかをIFN- γ 産生量を調べること

配列番号:1

配列の長さ:3998

配列の型:核酸

鎖の数:二本鎖

トポロジー:直鎖状

配列の種類:cDNA

起源

生物名:ヒト(Homo sapiens)

組織の種類:食道癌組織

配列の特徴

特徴を表す記号:CDS

存在位置:150..3023

特徴を決定した方法:P

配列:

```
CCGGGAGCCC GGGCGCCCTG GAGTGAGGAG GACCGGGAGC TGGCTCTGGA GGCTGCGGAG   60
GCGACGCCGG AGAGAACGAA GCCTCGGCTG GGAGCGGATC TTTCGAAGAT GGTTTGCTG   120
CCTTGGAGAT TTGGAGATCT GATGCCACG ATG AGG ACT CAC ACA CGG GGG GCT   173
                                     Met Arg Thr His Thr Arg Gly Ala
                                     5
CCC AGT GTG TTT TTC ATA TAT TTG CTT TGC TTT GTG TCA GCC TAC ATC   221
Pro Ser Val Phe Phe Ile Tyr Leu Leu Cys Phe Val Ser Ala Tyr Ile
      10                      15                      20
ACC GAC GAG AAC CCA GAA GTT ATG ATT CCC TTC ACC AAT GCC AAC TAC   269
Thr Asp Glu Asn Pro Glu Val Met Ile Pro Phe Thr Asn Ala Asn Tyr
      25                      30                      35                      40
GAC AGC CAT CCC ATG CTG TAC TTC TCC AGG GCA GAA GTG GCG GAG CTG   317
Asp Ser His Pro Met Leu Tyr Phe Ser Arg Ala Glu Val Ala Glu Leu
      45                      50                      55
CAG CTC AGG GCT GCC AGC TCG CAC GAG CAC ATT GCA GCC CGC CTC ACG   365
Gln Leu Arg Ala Ala Ser Ser His Glu His Ile Ala Ala Arg Leu Thr
      60                      65                      70
GAG GCT GTG CAC ACG ATG CTG TCC AGC CCC TTG GAA TAC CTC CCT CCC   413
Glu Ala Val His Thr Met Leu Ser Ser Pro Leu Glu Tyr Leu Pro Pro
      75                      80                      85
TGG GAT CCC AAG GAC TAC AGT GCC CGC TGG AAT GAA ATT TTT GGA AAC   461
Trp Asp Pro Lys Asp Tyr Ser Ala Arg Trp Asn Glu Ile Phe Gly Asn
      90                      95                      100
```

により検討した(図5)。

【0074】図5より、SART-2腫瘍抗原タンパク質は、
HLA-A2402 拘束性であることが示された。

【0075】

【発明の効果】本発明の腫瘍抗原タンパク質および腫瘍
抗原ペプチドを用いた抗腫瘍免疫を活性化するための医
薬、本発明の腫瘍抗原タンパク質に対する抗体等を用い
た自己免疫疾患を治療するための医薬、および腫瘍抗原
タンパク質をコードするDNA 等を含有する医薬を提供す
ることができ、また腫瘍または自己免疫疾患の診断方法
を提供することができる。

【0076】

【配列表】

21	22
AAC TTG GGT GCC TTG GCA ATG TTC TGT GTG CTG TAT CCT GAG AAC ATT	509
Asn Leu Gly Ala Leu Ala Met Phe Cys Val Leu Tyr Pro Glu Asn Ile	
105 110 115 120	
GAA GCC CGA GAC ATG GCC AAA GAC TAC ATG GAG AGG ATG GCA GCG CAG	557
Glu Ala Arg Asp Met Ala Lys Asp Tyr Met Glu Arg Met Ala Ala Gln	
125 130 135	
CCT AGT TGG TTG GTG AAA GAT GCT CCT TGG GAT GAG GTC CCG CTT GCT	605
Pro Ser Trp Leu Val Lys Asp Ala Pro Trp Asp Glu Val Pro Leu Ala	
140 145 150	
CAC TCC CTG GTT GGT TTT GCC ACT GCT TAT GAC TTC TTG TAC AAC TAC	653
His Ser Leu Val Gly Phe Ala Thr Ala Tyr Asp Phe Leu Tyr Asn Tyr	
155 160 165	
CTG AGC AAG ACA CAA CAG GAG AAG TTT CTT GAA GTG ATT GCC AAT GCC	701
Leu Ser Lys Thr Gln Gln Glu Lys Phe Leu Glu Val Ile Ala Asn Ala	
170 175 180	
TCA GGG TAT ATG TAT GAA ACT TCA TAC AGG AGA GGA TGG GGA TTT CAA	749
Ser Gly Tyr Met Tyr Glu Thr Ser Tyr Arg Arg Gly Trp Gly Phe Gln	
185 190 195 200	
TAC CTG CAC AAT CAT CAG CCC ACC AAC TGT ATG GCT TTG CTC ACG GGA	797
Tyr Leu His Asn His Gln Pro Thr Asn Cys Met Ala Leu Leu Thr Gly	
205 210 215	
AGC CTA GTC CTG ATG AAT CAA GGA TAT CTT CAA GAA GCC TAC TTA TGG	845
Ser Leu Val Leu Met Asn Gln Gly Tyr Leu Gln Glu Ala Tyr Leu Trp	
220 225 230	
ACC AAA CAA GTT CTG ACC ATC ATG GAG AAA TCT CTG GTC TTG CTC AGG	893
Thr Lys Gln Val Leu Thr Ile Met Glu Lys Ser Leu Val Leu Leu Arg	
235 240 245	
GAG GTG ACG GAT GGC TCC CTC TAT GAA GGA GTT GCG TAT GGC AGC TAC	941
Glu Val Thr Asp Gly Ser Leu Tyr Glu Gly Val Ala Tyr Gly Ser Tyr	
250 255 260	
ACC ACT AGA TCA CTC TTC CAA TAC ATG TTT CTC GTC CAG AGG CAC TTC	989
Thr Thr Arg Ser Leu Phe Gln Tyr Met Phe Leu Val Gln Arg His Phe	
265 270 275 280	
AAC ATC AAC CAC TTT GGC CAT CCG TGG CTT AAA CAA CAC TTT GCA TTT	1037
Asn Ile Asn His Phe Gly His Pro Trp Leu Lys Gln His Phe Ala Phe	
285 290 295	
ATG TAT AGA ACC ATC CTG CCA GGG TTT CAA AGG ACT GTG GCT ATT GCG	1085
Met Tyr Arg Thr Ile Leu Pro Gly Phe Gln Arg Thr Val Ala Ile Ala	
300 305 310	
GAC TCA AAT TAC AAC TGG TTT TAT GGT CCA GAA AGC CAA TTA GTG TTC	1133
Asp Ser Asn Tyr Asn Trp Phe Tyr Gly Pro Glu Ser Gln Leu Val Phe	
315 320 325	
CTT GAT AAA TTT GTC ATG CGT AAT GGC AGT GGT AAC TGG CTA GCT GAC	1181
Leu Asp Lys Phe Val Met Arg Asn Gly Ser Gly Asn Trp Leu Ala Asp	
330 335 340	
CAA ATC AGA AGG AAC CGT GTG GTG GAA GGT CCA GGA ACA CCA TCC AAA	1229
Gln Ile Arg Arg Asn Arg Val Val Glu Gly Pro Gly Thr Pro Ser Lys	
345 350 355 360	
GGG CAG CGC TGG TGC ACT CTG CAC ACA GAA TTT CTC TGG TAT GAT GGC	1277
Gly Gln Arg Trp Cys Thr Leu His Thr Glu Phe Leu Trp Tyr Asp Gly	

23		24
	365	370
AGC TTG AAA TCG GTT CCT CCT CCA GAC TTT GGC ACC CCT ACA CTG CAT		375
Ser Leu Lys Ser Val Pro Pro Pro Asp Phe Gly Thr Pro Thr Leu His		1325
	380	385
TAT TTT GAA GAC TGG GGT GTC GTG ACT TAT GGA AGT GCA CTA CCT GCA		390
Tyr Phe Glu Asp Trp Gly Val Val Thr Tyr Gly Ser Ala Leu Pro Ala		1373
	395	400
GAA ATC AAT AGA TCT TTC CTT TCC TTC AAG TCT GGA AAA CTG GGG GGA		405
Glu Ile Asn Arg Ser Phe Leu Ser Phe Lys Ser Gly Lys Leu Gly Gly		1421
	410	415
CGT GCA ATA TAT GAC ATT GTC CAC AGA AAC AAA TAC AAA GAT TGG ATC		420
Arg Ala Ile Tyr Asp Ile Val His Arg Asn Lys Tyr Lys Asp Trp Ile		1469
	425	430
AAA GGA TGG AGA AAT TTT AAT GCA GGG CAT GAA CAT CCT GAT CAA AAC		435
Lys Gly Trp Arg Asn Phe Asn Ala Gly His Glu His Pro Asp Gln Asn		440
	445	450
TCA TTT ACT TTT GCT CCC AAT GGT GTG CCT TTC ATT ACT GAG GCT CTG		455
Ser Phe Thr Phe Ala Pro Asn Gly Val Pro Phe Ile Thr Glu Ala Leu		1517
	460	465
TAC GGG CCA AAG TAC ACC TTC TTC AAC AAT GTT TTG ATG TTT TCC CCA		470
Tyr Gly Pro Lys Tyr Thr Phe Phe Asn Asn Val Leu Met Phe Ser Pro		1613
	475	480
GCT GTG TCA AAG AGC TGC TTT TCT CCC TGG GTG GGT CAG GTC ACA GAA		485
Ala Val Ser Lys Ser Cys Phe Ser Pro Trp Val Gly Gln Val Thr Glu		1661
	490	495
GAC TGC TCA TCA AAA TGG TCT AAA TAC AAG CAT GAC CTG GCA GCT AGT		500
Asp Cys Ser Ser Lys Trp Ser Lys Tyr Lys His Asp Leu Ala Ala Ser		1709
	505	510
TGT CAG GGG AGG GTG GTT GCA GCA GAG GAG AAA AAT GGG GTG GTT TTC		515
Cys Gln Gly Arg Val Val Ala Ala Glu Glu Lys Asn Gly Val Val Phe		520
	525	530
ATC CGA GGA GAA GGT GTG GGA GCT TAT AAC CCC CAG CTC AAC CTG AAG		535
Ile Arg Gly Glu Gly Val Gly Ala Tyr Asn Pro Gln Leu Asn Leu Lys		1805
	540	545
AAT GTT CAG AGG AAT CTC ATC CTC CTA CAT CCA CAG CTG CTT CTC CTT		550
Asn Val Gln Arg Asn Leu Ile Leu Leu His Pro Gln Leu Leu Leu Leu		1853
	555	560
GTA GAC CAA ATA CAC CTG GGA GAG GAG AGT CCC TTG GAG ACA GCA GCG		565
Val Asp Gln Ile His Leu Gly Glu Glu Ser Pro Leu Glu Thr Ala Ala		1901
	570	575
AGC TTC TTC CAT AAT GTG GAT GTT CCT TTT GAG GAG ACT GTG GTA GAT		580
Ser Phe Phe His Asn Val Asp Val Pro Phe Glu Glu Thr Val Val Asp		1949
	585	590
GGT GTC CAT GGG GCT TTC ATC AGG CAG AGA GAT GGT CTC TAT AAA ATG		595
Gly Val His Gly Ala Phe Ile Arg Gln Arg Asp Gly Leu Tyr Lys Met		600
	605	610
TAC TGG ATG GAC GAT ACT GGC TAC AGC GAG AAA GCA ACC TTT GCC TCA		615
Tyr Trp Met Asp Asp Thr Gly Tyr Ser Glu Lys Ala Thr Phe Ala Ser		2045
	620	625
GTG ACA TAT CCT CGG GGC TAT CCC TAC AAC GGG ACA AAC TAT GTG AAT		630
		2093

25	26
Val Thr Tyr Pro Arg Gly Tyr Pro Tyr Asn Gly Thr Asn Tyr Val Asn	
635	640 645
GTC ACC ATG CAC CTC CGA AGT CCC ATC ACC AGG GCA GCT TAC CTC TTC	2141
Val Thr Met His Leu Arg Ser Pro Ile Thr Arg Ala Ala Tyr Leu Phe	
650	655 660
ATA GGG CCA TCT ATA GAT GTT CAG AGC TTC ACT GTC CAC GGA GAC TCT	2189
Ile Gly Pro Ser Ile Asp Val Gln Ser Phe Thr Val His Gly Asp Ser	
665	670 675 680
CAG CAA CTG GAT GTG TTC ATA GCC ACC AGC AAA CAT GCC TAC GCC ACA	2237
Gln Gln Leu Asp Val Phe Ile Ala Thr Ser Lys His Ala Tyr Ala Thr	
685	690 695
TAC CTG TGG ACA GGT GAG GCC ACA GGA CAG TCT GCC TTT GCA CAG GTC	2285
Tyr Leu Trp Thr Gly Glu Ala Thr Gly Gln Ser Ala Phe Ala Gln Val	
700	705 710
ATT GCT GAT CGT CAC AAA ATT CTG TTT GAC CGG AAT TCA GCC ATC AAG	2333
Ile Ala Asp Arg His Lys Ile Leu Phe Asp Arg Asn Ser Ala Ile Lys	
715	720 725
AGC AGC ATT GTC CCT GAG GTG AAG GAC TAT GCT GCT ATT GTG GAA CAG	2381
Ser Ser Ile Val Pro Glu Val Lys Asp Tyr Ala Ala Ile Val Glu Gln	
730	735 740
AAC TTG CAG CAT TTT AAA CCA GTG TTT CAG CTG CTG GAG AAG CAG ATA	2429
Asn Leu Gln His Phe Lys Pro Val Phe Gln Leu Leu Glu Lys Gln Ile	
745	750 755 760
CTG TCC CGA GTC CGG AAC ACA GCT AGC TTT AGG AAG ACT GCT GAA CGC	2477
Leu Ser Arg Val Arg Asn Thr Ala Ser Phe Arg Lys Thr Ala Glu Arg	
765	770 775
CTG CTG AGA TTT TCA GAT AAG AGA CAG ACT GAG GAG GCC ATT GAC AGG	2525
Leu Leu Arg Phe Ser Asp Lys Arg Gln Thr Glu Glu Ala Ile Asp Arg	
780	785 790
ATT TTT GCC ATA TCA CAG CAA CAG CAG CAG CAA AGC AAG TCA AAG AAA	2573
Ile Phe Ala Ile Ser Gln Gln Gln Gln Gln Gln Ser Lys Ser Lys Lys	
795	800 805
AAC CGA AGG GCA GGC AAA CGC TAT AAA TTT GTG GAT GCT GTC CCT GAT	2621
Asn Arg Arg Ala Gly Lys Arg Tyr Lys Phe Val Asp Ala Val Pro Asp	
810	815 820
ATT TTT GCA CAG ATT GAA GTC AAT GAG AAA AAG ATT AGA CAG AAA GCT	2669
Ile Phe Ala Gln Ile Glu Val Asn Glu Lys Lys Ile Arg Gln Lys Ala	
825	830 835 840
CAG ATT TTG GCA CAG AAA GAA CTA CCC ATA GAT GAA GAT GAA GAA ATG	2717
Gln Ile Leu Ala Gln Lys Glu Leu Pro Ile Asp Glu Asp Glu Glu Met	
845	850 855
AAA GAC CTT TTA GAT TTT GCA GAT GTA ACA TAC GAG AAA CAT AAA AAT	2765
Lys Asp Leu Leu Asp Phe Ala Asp Val Thr Tyr Glu Lys His Lys Asn	
860	865 870
GGG GGC TTG ATT AAA GGC CGG TTT GGA CAG GCA CGG ATG GTG ACA ACT	2813
Gly Gly Leu Ile Lys Gly Arg Phe Gly Gln Ala Arg Met Val Thr Thr	
875	880 885
ACA CAC AGC AGG GCC CCA TCA CTG TCT GCT TCC TAT ACC AGG TTG TTC	2861
Thr His Ser Arg Ala Pro Ser Leu Ser Ala Ser Tyr Thr Arg Leu Phe	
890	895 900

27

28

CTG ATT CTG AAC ATT GCT ATT TTC TTT GTC ATG TTG GCA ATG CAA CTG 2909
 Leu Ile Leu Asn Ile Ala Ile Phe Phe Val Met Leu Ala Met Gln Leu
 905 910 915 920
 ACT TAT TTC CAG AGG GCC CAG AGC CTA CAT GGC CAA AGA TGT CTT TAT 2957
 Thr Tyr Phe Gln Arg Ala Gln Ser Leu His Gly Gln Arg Cys Leu Tyr
 925 930 935
 GCA GTT CTT CTC ATA GAT AGC TGT ATT TTA TTA TGG TTG TAC TCT TCT 3005
 Ala Val Leu Leu Ile Asp Ser Cys Ile Leu Leu Trp Leu Tyr Ser Ser
 940 945 950
 TGT TCC CAA TCA CAG TGT TAGCACTGAA GCTATAAATT ACCTGGT 3050
 Cys Ser Gln Ser Gln Cys
 955
 CATTTTGTGA TCACAAGAGT CTATGCAAAA AAAAAAATTT CTTTACCCCA GATTATCAGA 3110
 TTTTTCCTCC TCAGATTTCAT TTTAACAAT TAAGGGAAGA TATTTTGACA CAAGAAAGCA 3170
 GGAACGTGGA GAAATTGGAG CAGGAAAAGA AATTATCAAA GCAATAGAAA TAGCTTGGTG 3230
 GTCCTATGGT GTTTTGGAA GTATTGGCA TTGCTAATTG AGCAGTCCAT ATAGTACTAC 3290
 TTTTGAAGA AACAAAAAGT CTATTTTTA AAGTAATGTT TTTTCTTATG AGAAAAAGGT 3350
 TTAGATAGAA TTGGGTTTTA TTAATATTAA TTTAATGCTA TTAGCAATTT CCATATACTA 3410
 TATTGTGGAA AAGACTGAAG AATACAATTC TGAGAAATAT AAAAAAATTT TAATGGTATA 3470
 CTCATGTTGA AAGATAAATG TTGCTAAGTC CTGGTATGAT GGTGTGAGCT TCCTTGGGGA 3530
 AGTACTTCTT GAGTTATGTA ACTAACAGGA TGTTTTACTA CAGATCTGGA TGGCTATTCA 3590
 GATAACATGG CAAAAATGA TAGCAGAAGA TCATTAAAAA CTTAAATAT ATTTTATTAG 3650
 AAAACATTTA TCTATGAATG AATATTTCTT TGATGCTGGT CTCTGCACAC ATATGCTTGG 3710
 TTACTTGCAT GCATTCATTG GTTGTTCAT AAGTGAGATG ATTACAGATA ATACTGTATT 3770
 TTCCTTATAT GGAAAACCGT TATAGACCCA ATAACAATA AACCTTTCAA AAGAAAAATAT 3830
 TTTCTATTAT GAATGTTGAT TTTCATACCA AAGAAGATGG AGAGTCTAAA ATTTGGATAT 3890
 GATTCTTATG TTTTITTAAT AGAAAACCTT CTTCAAGTTT ATTTTCCTAA ATAAACATCA 3950
 TAATTGTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 3998

【 0 0 7 7 】 配列番号 : 2

配列の長さ : 9

配列の型 : アミノ酸

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : ペプチド

配列 :

Asp Tyr Ser Ala Arg Trp Asn Glu Ile

5

【 0 0 7 8 】 配列番号 : 3

配列の長さ : 9

配列の型 : アミノ酸

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : ペプチド

配列 :

Ala Tyr Asp Phe Leu Tyr Asn Tyr Leu

5

【 0 0 7 9 】 配列番号 : 4

配列の長さ : 9

配列の型 : アミノ酸

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : ペプチド

配列 :

Ala Tyr Leu Trp Thr Lys Gln Val Leu

5

【 0 0 8 0 】 配列番号 : 5

配列の長さ : 9

配列の型 : アミノ酸

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : ペプチド

配列 :

Met Tyr Arg Thr Ile Leu Pro Gly Phe

5

40 【 0 0 8 1 】 配列番号 : 6

配列の長さ : 9

配列の型 : アミノ酸

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : ペプチド

配列 :

Leu Tyr Gly Pro Lys Tyr Thr Phe Phe

5

【 0 0 8 2 】 配列番号 : 7

配列の長さ : 9

50 配列の型 : アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：ペプチド

配列：

Lys Tyr Thr Phe Phe Asn Asn Val Leu

5

【0083】配列番号：8

配列の長さ：9

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：ペプチド

配列：

Asn Tyr Val Asn Val Thr Met His Leu

5

【0084】配列番号：9

配列の長さ：9

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：ペプチド

配列：

Ala Tyr Leu Phe Ile Gly Pro Ser Ile

5

【0085】配列番号：10

配列の長さ：9

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：ペプチド

配列：

Ser Tyr Thr Arg Leu Phe Leu Ile Leu

5

【0086】配列番号：11

配列の長さ：9

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：ペプチド

配列：

10 Thr Tyr Phe Gln Arg Ala Gln Ser Leu

5

【図面の簡単な説明】

【図1】図1は、SART-2cDNAおよびそれから推定される最長のオープンリーディングフレームを有するアミノ酸配列（1文字標記）を示す。

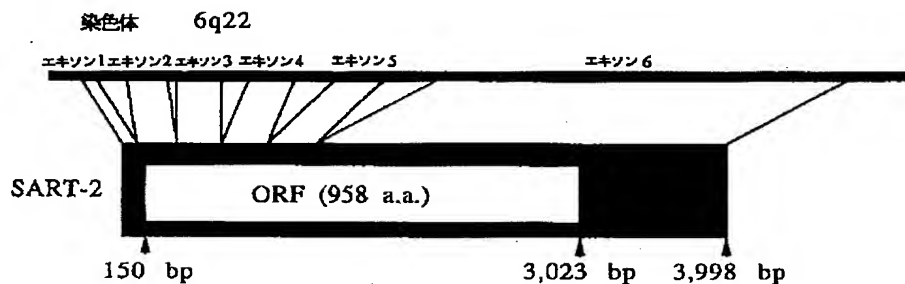
【図2】図2は、SART-2遺伝子の構造を示す模式図である。ORFは、オープンリーディングフレームを示す。

【図3】図3は、SART-2遺伝子欠失変異体を用いてIFN- γ 産生量をELISAによって測定したグラフである。図中、NCはネガティブコントロールを示す。

【図4】図4は、表1に示す推定HLA-A24 結合ペプチドを用いてIFN- γ 産生量をELISAによって測定したグラフである。

【図5】図5は、SART-2遺伝子がコードする腫瘍抗原タンパク質がHLA-A2402 拘束性であることを示すグラフである。

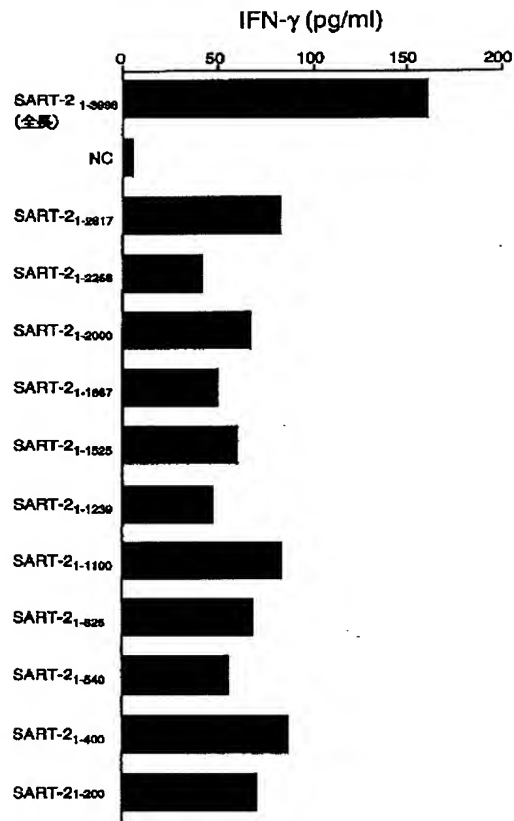
【図2】



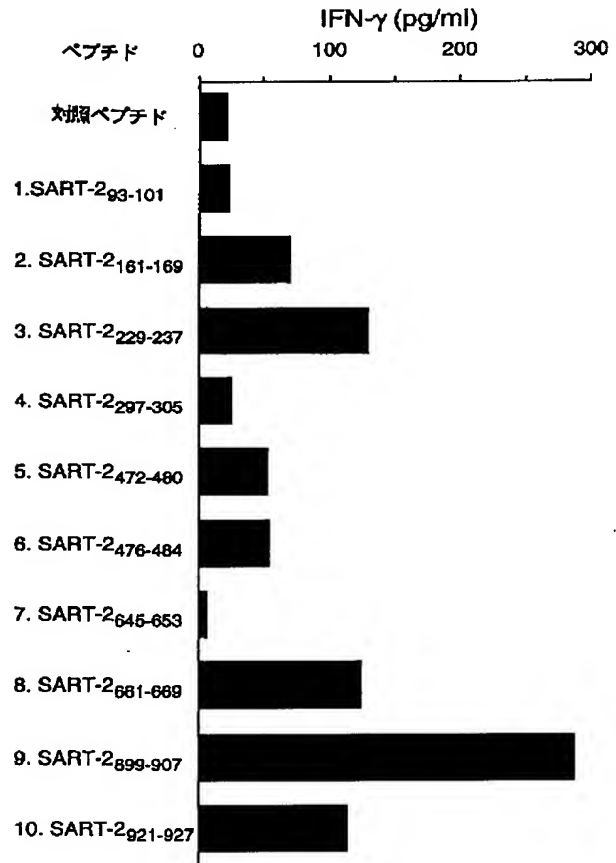
【 図 1 】

10	20	30	40	50	60	70	80	90	100
123456789012345	678901234567890	123456789012345	678901234567890	123456789012345	678901234567890	123456789012345	678901234567890	123456789012345	678901234567890
0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000	0000000000000000
TTTCCAGATGTTT	CTTCTCTTCTGAGAT	TTTCCATCTCTGATC	CACATGATGACTT	CACACGCGCGCGTCC	CATCTCTCTTCTT	ATATTCTCTT	200		
TCTTTTCTCTGAGC	TACTTCTCTCTGAG	ATCTCTCTCTCTGAG	ATCTCTCTCTCTGAG	ATCTCTCTCTCTGAG	ATCTCTCTCTCTGAG	ATCTCTCTCTCTGAG	ATCTCTCTCTCTGAG	ATCTCTCTCTCTGAG	ATCTCTCTCTCTGAG
C F V S A Y I T D E	N F E V H I P F T H	A N Y D S H P H L Y	F S R A				300		
CAGAGTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
E V A E L Q L R A A	S S H E H I A A P I	T E A V H T M I S S	P L E				400		
ATCTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
Y L F P W D P K D Y	S A R H N E I F G N	N L G A L A M F C V	L Y P				500		
GAGAGTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
E N I E A R D H A K	D Y M E R N A A Q P	S W L V K D A P H D	E V F L				600		
TCTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
A H S L Y G F A T A	Y D E L Y N Y L S K	T Q Q E K F L E V I	A N A				700		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
S G Y N Y E T S Y R	R G W G F Q Y L H N	H O P T H C M A L L	T G S				800		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
L V L H N Q G Y L C	E A Y L W T K Q V L	T I M E K S L V L L	R E V T				900		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
D G S L Y E G V A Y	G S Y T T H S L F Q	Y N F L V Q R H F N	I N H				1000		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
P G H P W L K Q H F	A F M Y R T I L F G	F Q R T V A I A D S	H Y N				1100		
TCTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
H F Y G P S Q L V	F L E K F V M R N G	S O H W L A D Q I R	H R V				1200		
TCTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
V E G P G T F S K G	Q R W C T L H T E F	L W Y D G S L K S V	P P P				1300		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
D F G T F T L H Y F	E D W G V V T Y G S	A L P A E I N R S F	L S F				1400		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
K S G K L G G R A I	Y D I V H R N K Y E	D W I K S W R N F N	A C H E				1500		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
H P D Q N S F T P A	P N G V F F I T E A	L Y C F K Y T F F H	N V L				1600		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
M F S P A V S K S C	P S P W V G O V T E	D C S K W S K Y K	H D L				1700		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
A A S C Q C R V V A	A E E K N G V V F I	R G E G V G A Y H E	Q L N L				1800		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
X N V Q R N L I L L	H P Q L L L L V D Q	I H L G R E S P L E	T A A				1900		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
S F F H N V D V P F	E E T V V D G V H G	A F I R Q R D G L Y	K M Y				2000		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
W M D D T G Y S E E	A T F A S V T Y P R	G Y P Y N G T N Y V	N V T M				2100		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
H L R S P I T R A A	Y L P I G P S I D V	Q S F T V H G D S Q	Q L D				2200		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
V F I A T S K H A Y	A T Y L W T G E A T	G O S A F A Q V I A	D R H				2300		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
K I L F D R M S A I	K S S I V P E V K D	Y A A I V B Q N L Q	H F K P				2400		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
V F O L L E K Q I L	S R V R N T A S F R	K T A E R L R F S	D K R				2500		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
Q T E E A I D R I F	A I S Q Q O O C O S	K S K K N R R A G K	P Y E				2600		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
E V D A V P D I F A	Q I E V N E K K I R	Q K A Q I L A Q K E	L F I D				2700		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
E D E E H K D L L D	F A D V T Y E K H K	N G G L I K G R F G	Q A P				2800		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
M V T T T H S R A P	S L S A S Y T R L F	L I L N I A I F F V	H L A				2900		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
H Q L T Y F Q R A Q	S L H G Q R C L Y A	V L L I D S C I L L	N L Y S				3000		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
S C S Q S Q C							3100		
CTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG	CTTCTCTCTCTGAG
A A T T C T C T C T	G A G T T C T C T C	T T C A C A A T T A A C	G A G T T C T C T C	C A C A A C C A C C A C	C T C A A A T T C A C	C A C A A A C A	3200		
A A T T C T C T C T	G A G T T C T C T C	T T C A C A A T T A A C	G A G T T C T C T C	C A C A A C C A C C A C	C T C A A A T T C A C	C A C A A A C A	3300		
A A C A A A A T T A A T	T T T T A A A T T A A T	T T T C T T A T G A A A	A A G T T T A T A G A A	T T C T T T T T A T A A T	A T T A A T T T A A T T A A	T T A C A A T T	3400		
C C K A T A C T A A T T	T G A A A A C T G A G	A A T A A A T T C A G A	A A T A A A A A A A T T	T A A T T A T A C T A A T	G T T A A A A T A A T T	T T C T A A G T C	3500		
C T C T A T A T A T T	G A G T T C T C T C	A G T A C T T C T C A T T	A T A A C T A C A G A	T G T T T A C T A C A T	C T C A T T C T A T T C A	C T A C A T A C	3600		
C A A A A A T A C A C A	G A G T T C T C T C	C T A A A A T A T T T T	A T T A A A A C A T T A	T C T A A A A T A A T	T T C T T C A T C T C T	C T C T C A C A C	3700		
A T A T C T C T C T A C T	T C A T C A T C A T T	G T T G T C A T A A G T	A G A T A T A C A A T	A T A C T A T A T T T C T	T A T A T C A A A C C T	T A T A C A C A	3800		
A T A C A C T A A A C T	T T C A A A A A A A T	T T C T A T A T A A G T	T T C A T T T C A T A C A	A A G A G T C A C A C T	C T A A A A T T C A T A T	G A T T C T A T G	3900		
T T T T T A T A G A A A	A C T T C T C A G T T	A T T T C T A A A T A A	C A T A T A T T C T A	A A A A A A A A A A A A	A A A A A A A A A A A A	A A A A A A A A	3998		

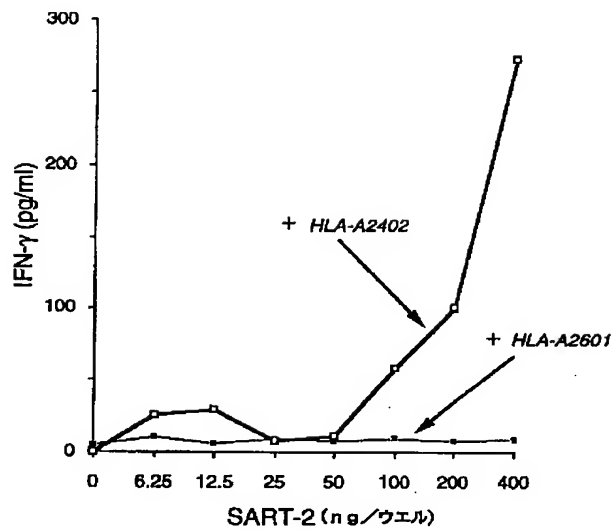
【図 3】



【図 4】



【図 5】



フロントページの続き

(51) Int. Cl.⁶

識別記号

F I

C 0 7 K 14/47

C 0 7 K 16/18

16/18

C 1 2 P 21/02

F

C 1 2 N 5/10

G 0 1 N 33/574

A

C 1 2 P 21/02

A 6 1 K 37/02

A D U

// G 0 1 N 33/574

C 1 2 N 5/00

B

(C 1 2 N 15/09

Z N A

C 1 2 R 1:91)

(C 1 2 N 5/10

C 1 2 R 1:91)

(C 1 2 P 21/02

C 1 2 R 1:91)